

La Ciencia-Arte en la perspectiva de la complejidad: un reto para la Clasificación Biológica

The Science-Art in the perspective of complexity: a challenge to Biological Classification

Jorge Luis Fontenla

Museo Nacional de Historia Natural. Obispo 61 La Habana 1, CP 10100, Cuba.
libélula@mnhnc.inf.cu

Resumen

En la actualidad, existen dos sistemas de clasificación y nomenclatura biológicas: la clasificación darwinista o evolucionaria, que puede ser también filogenética, y la llamada taxonomía filogenética, la cual, en su práctica más ortodoxa, sólo utiliza nomenclatura filogenética. Ambos sistemas se encuentran en competición. Por su utilización de grupos monofiléticos tratados como holofiléticos, algunos exponen que ésta última no puede constituir un sistema de ordenamiento o clasificación evolucionario, al centrarse de manera exclusiva en el principio de la descendencia. Por este motivo, pretende traducir de manera directa filogenias en clasificaciones. La clasificación es una actividad compleja, porque está enraizada en la propia naturaleza humana. Clasificar (epistemología) es dialógico (lógica diferente) con la filogenia (ontología). No existe un principio universal o un método único para clasificar. Por ello, la clasificación debe asimilarse como un fenómeno complejo desde la perspectiva de la ciencia-arte, no como una actividad perteneciente en exclusiva al conocimiento científico.

Abstract

In the common practice of taxonomy and biological classification two systems coexist in competition: the evolutionary or Darwinist classification, which can be also a phylogenetic classification, and the so called phylogenetic classification. This last one, in its utmost orthodox practice, only uses phylogenetic nomenclature. Because of its exclusive using of monophyletic groups, actually treated as holophyletic, some researches claim that this system cannot be an evolutionary ordering or classification system, because only focuses in the principle of descent, and pretend translate directly phylogenies into classifications. Classification is a complex activity, because it is deeply rooted in human nature. To classify (epistemology) is dialogic (different logics) with phylogeny (ontology). There is not a universal principle or a unique method to make classifications. Because of these reasons, classification must be assimilated as a complex phenomenon from the perspective of the science-art, not only as an activity belonging exclusively to scientific knowledge.

Palabras clave: clasificación, cladismo, complejidad, ciencia-arte.

Key words: classification, cladism, complexity, science-art.

“El arte no intenta reducir la complejidad, se limita a aceptarla” (KLEE, 1975).

“...los sistemas de clasificación reflejan y dirigen a la vez nuestro pensamiento. Nuestra manera de ordenar refleja nuestra manera de pensar. Cambios históricos en el modo de clasificar son los indicadores fosilizados de las revoluciones conceptuales.” (GOULD, 1982).

“La Naturaleza opera más como un artista que como un ingeniero.” (BOHM, 1988).

CONSIDERACIONES GENERALES

Segun KAUFFMANN (1993) la ciencia de finales del siglo XX y durante el XXI, deberá confrontar la complejidad organizada; pero enfatizó que en ninguna otra ciencia como en la Biología se hace notar tanto la ausencia de herramientas conceptuales para esta confrontación. Por otra parte, NAJMANOVICH (2002) aseveró que hemos vivido bajo el hechizo del método, del que recién comenzamos a despertar. Comenzamos a navegar por los mares procelosos de la incertidumbre y la creatividad, y pagamos el impuesto al nuevo Caronte: la renuncia a la ilusión de un saber garantizado y absoluto... La renuncia a la idea de un único método no es desistir de los senderos ya probados... No es despenarse por lo anárquico, sino abrirse a la multiplicidad de significados. La via regia de la ciencia es la búsqueda de métodos de descubrimiento y análisis, no sólo racionales, sino racionalizantes. La ciencia busca principios generales racionales para aplicar a casos particulares de fenómenos. La perspectiva de la complejidad también se interesa por los aspectos arracionales del pensamiento y por la comprensión y explicación de fenómenos únicos y singulares.

WITHGOTT (2000) ha expuesto que es quizás intrínseco a la naturaleza humana el categorizar y clasificar las entidades que percibimos. De igual modo, BENTON (2000) reflexiona que clasificar es un atributo profundamente enraizado en nuestra naturaleza. En la biología, tales tareas pertenecen al quehacer de la taxonomía, clasificación y nomenclatura biológicas. Distinguir, describir, nombrar y clasificar a las entidades vivientes con las cuales compartimos el planeta es utilitario, necesario y, además, perentorio; pero también nos impele a ello esa reconocida e indiscutible compulsión innata, arracional. Por lo tanto, la necesidad de clasificar se debe buscar primariamente a lo interno del ser humano: es un fenómeno complejo.

Taxonomía, sistemática, clasificación y nomenclatura son términos que muchas veces se emplean de manera más o menos difusa y más o menos indistinta (FONTENLA, 1999), pero todos convergen hacia una actividad básica: la de buscar una manera de ordenar y comunicar información sobre la diversidad biológica. Por una multiplicidad de razones, todas estas actividades, que fueron largo tiempo vistas con menosprecio o conmisericordia generalizados, han tomado un auge notable y se encuentran en el centro de encendidas polémicas, sobre todo en cuanto concierne a los esquemas de clasificación y nomenclatura. Justamente, las polémicas tienen que ver con la derogación o modificación de los esquemas clasificatorios y nomenclaturales actuales, expresados en los códigos de nomenclatura vigentes (IUMG, 1992; ICB, 1994; ICZN, 1999), y en la adopción del llamado código filogenético (<http://www.ohiou.edu/phylocode/>.) basado en un esquema de taxonomía, clasificación y nomenclatura filogenéticas.

Un sistema de nomenclatura es un grupo de convenciones que especifican como deben ser aplicados los nombres y la regulación de ese uso (DE QUEIROZ, 1997). El manejo del término clasificación es más difuso. Por ejemplo, RIEPPEL (1988) consignó que la clasificación es el arreglo de los individuos en grupos y de grupos en sistemas. DE QUEIROZ (1988) propuso que la clasificación es el ordenamiento de las entidades en clases. Por otra parte, para MAYR Y BOCK (2002) hay una confusión generalizada para la distinción entre sistemas de clasificación y sistemas de ordenamiento. Estos últimos constitu-

yen un término global que incluye todos los esquemas que intentan arreglar una diversidad de objetos en categorizaciones particulares. La clasificación la definen como “el arreglo de entidades en una serie jerárquica de clases anidadas, en la cual clases semejantes o relacionadas en un nivel jerárquico son combinadas comprensivamente dentro de clases más inclusivas en el siguiente nivel de inclusividad superior”. O dicho de manera más sucinta: “sistema ordenado jerárquicamente de clases de objetos semejantes”. Estos autores comentan acerca de los diversos significados del concepto de clase (la discusión de ello no concierne a este breve ensayo), pero puntualizan que en la clasificación biológica jamás este concepto debe confundirse con la connotación esencialista de la lógica clásica.

En conclusión, la clasificación comprende dos actividades básicas: el agrupamiento de entidades en clases, y el ordenamiento de estas clases en un sistema jerárquico. De otra manera, el arreglo obtenido a través de uno o varios criterios combinados constituye un sistema de ordenamiento, pero no un sistema clasificatorio. STUESSY (2001) enfatiza que las dos actividades básicas de la clasificación biológica son el agrupamiento y la jerarquización. También se reconoce una tercera cualidad. Toda clasificación tiene como propósito comunicar una información determinada a través de un sistema racional de ordenamiento. Por lo tanto, toda clasificación debe tener un carácter utilitario (BENTON, 2000; WHITGOTT, 2000; MAYR Y BOCK, 2002).

El modo predominante de clasificar y nombrar taxones es el conocido sistema linneano, el cual se basa en crear un sistema de clases jerárquicas para delimitar taxones. Linnè propuso el siguiente esquema de categorías de inclusividad creciente: *Species*, *Genus*, *Ordo*, *Classis* y *Regnum*. Luego se añadieron en Zoología las categorías mandatorias de *Familia* y *Phylum* y se eliminó la de *Varietas*, también adoptada por Linnè. Como es conocido, las categorías taxonómicas de Linnè son también categorías de la lógica clásica. Ello implica que los taxones son “*clases naturales*” de entidades, las cuales pueden ser descubiertas e incluidas en el sistema clasificatorio propuesto. Para Platón y Aristóteles, y por consiguiente, para Linnè, el clasificar es ubicar en clases, es situar a las entidades en su lugar ontológico. Este lugar comprende dos elementos lógicos: “*el género próximo*” y la “*diferenciación específica*”. Aristóteles precisó que los géneros eran atributos esenciales aplicados a una pluralidad de cosas que diferían entre sí específicamente. Así, el binomio nomenclatural linneano para designar a la categoría taxonómica basal, la especie, emerge directamente de una cosmovisión esencialista y fijista. Las relaciones entre entidades no tienen que ver con sus relaciones de descendencia, de su historia, sino de sus atributos esenciales, inmanentes y eternos.

Con Darwin, y después de afianzadas sus ideas, los taxones son conceptuados no como ontologías o clases naturales, sino como genealogías (EREHERSKY, 1997). La evolución, la descendencia con modificación tan citada por Darwin en su obra clásica, conlleva la reflexión de que los taxones no son clases naturales lógicas, sino grupos históricos que descienden de un antecesor común, a través del proceso de filogenia. DE QUEIROZ (1988, 1997) plantea que el principio más general de la evolución es el de la descendencia. La asimilación del mismo ha conducido a lo que él denomina “*la evolucionización de la taxonomía*”. Todo ello ha desembocado en la propuesta y práctica de esquemas de clasificación y nomenclaturas no linneanas (DE QUEIROZ y GAUTHIER, 1990, 1992, 1994; DE QUEIROZ, 1997; CANTINO, BRYANT, DE QUEIROZ, DONOGHUE, ERIKSSON, HILLIS y LEE,

1999; ERESHERSKY, 2000). En su conjunto, estos propugnan que las clasificaciones deben hacerse sobre la base de una hipótesis explícita de relaciones filogenéticas, es decir, a partir de un cladograma. Sólo son aceptados como taxones los grupos monofiléticos y se tiende a la desaparición de la nomenclatura binomial para designar a las especies y a la eliminación de las categorías y jerarquías linneanas y post-linneanas. La asunción implícita y explícita es la estructuración de una taxonomía más robusta, estable y universal.

BENTON (2000) propone que se le llame específicamente a esta perspectiva *nomenclatura filogenética*. Tal sugerencia se debe a que los términos de taxonomía o sistemática filogenética, como también suele llamársele a la taxonomía no linneana, pueden ser referidos por igual a la adopción del método cladístico, cuyos practicantes también construyen clasificaciones y aplican nomenclatura de tipo tradicional. HÄRLIN (2003a), al referirse al contexto taxonómico actual, resumió que existe un grupo de taxónomos que desarrolla nuevos sistemas de nomenclatura biológica, cuyo consenso es abandonar el sistema linneano y moverse hacia un enfoque explícitamente filogenético y libre de jerarquías. Por otra parte -continúa- existen opiniones diferentes, al tiempo que el grueso de los sistemáticos se encuentra bastante al margen o ignorante sobre el tópico.

DE QUEIROZ y GAUTHIER (1990, 1994) establecieron que las definiciones filogenéticas son enunciados para especificar el significado de nombres de taxones. Los nombres deben ser definidos en términos de ancestría común, con referencia al antecesor común más reciente (ACMR) del clado. Así, se apartan de la concepción esencialista linneana de la definición de taxones. La sintaxis más común (Fig. 1) es como sigue: definición nodal (node-based): clado que se origina a partir del ACMR de A y B y todos sus descendientes; definición ramal (stem based): A y B y todos los organismos que comparten un ACMR con ellos, pero no con C; definición por apomorfía (apomorphy-based): clado que se origina a partir del ACMR en poseer el carácter X y todos sus descendientes.

SCHANDER y THOLLESSON (1995) y LEE (1996, 1998) sugirieron eliminar la referencia a antecesores de las definiciones, debido a que en los cladogramas no es posible identificar antecesores reales, sólo relaciones de jerarquía entre caracteres. Así, la sintaxis quedaría como sigue: nodal: el clado menos inclusivo incluyendo A y B; ramal: el clado más inclusivo incluyendo A, pero no B; por apomorfía: el grupo monofilético diagnosticado por la apomorfía X.

La delimitación de un clado es objetiva en el sentido que se hace referencia a una localización en un cladograma, pero es subjetiva en cuanto a la decisión de cuales y cuán-

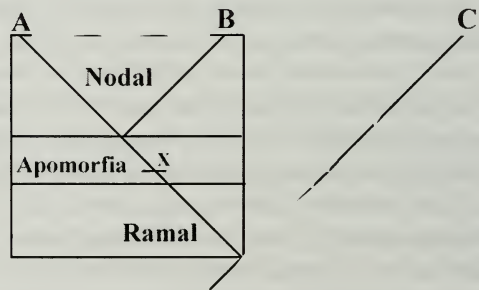


Figura 1. Diferentes tipos de definiciones filogenéticas. Ver explicación en el texto.

Figure 1. Different kind of phylogenetic definitions. Explanations in text.

tos clados nombrar. PLEIJEL (1999), expone que la elección de qué clado nombrar es dictada por la cantidad de evidencia presente y la necesidad real de un nombre. Ello no es antagónico con una clasificación darwiniana o evolucionaria, que también puede nombrar taxones a partir de su delimitación en un cladograma, concebido éste como una hipótesis de relaciones filogenéticas. Sin embargo, la posición y la propia concepción de los taxones pueden variar si cambian las hipótesis de relaciones, es decir, los cladogramas. Por ello, BRYANT (1997) considera que se debe incluir o referenciar el cladograma a partir del cual se construye la clasificación.

Las definiciones de los nombres de taxones no han estado exentas de polémicas. GHISELIN (1995) expuso que los nombres de los taxones no tienen propiedades definitorias, porque son nombres propios. Sólo son etiquetas y su definición es ostensiva, no relacional, como las propuestas de los seguidores de la nomenclatura filogenética. Concibe a los taxones como clases, cuyos miembros si pueden tener propiedades relacionales. A ello, DE QUEIROZ (1995) replicó que los nombres se refieren a entidades que no son estrictamente clases en el sentido lógico (sin restricción espacio-temporal), sino clases restringidas espacio-temporalmente. Con posterioridad, DE QUEIROZ (1997) consignó que la definición es un enunciado especificando el significado de una palabra. En el contexto de la nomenclatura biológica –prosigue– las palabras de interés son los nombres de taxones. Así, el significado de estos nombres son sus designaciones a taxones particulares.

STUESSY (2000, 2001) critica este enfoque y insiste en que los nombres son etiquetas para individuos o grupos; estos pueden ser descritos o caracterizados, pero no sus nombres. Los taxones se circunscriben, por eso tienen características definitorias, y después se bautizan; pero estos nombres no pueden tener definiciones. Por su lado, BENTON (2000) discurre que los taxones biológicos son entidades históricas y sus nombres sólo se refieren a hipótesis particulares de ancestría común, mientras que SERENO (1999) consignó que el objetivo de una definición filogenética debe ser la identificación no ambigua de un antecesor común específico, dado cualquier arreglo de los taxones. Es decir, no se refiere a la definición de nombres, sino a los taxones que estos nombres denotan.

Una de las propuestas más generalizadas es la de suprimir la nomenclatura binomial para las especies. El fundamento es que no todos los géneros tienen la misma equivalencia, además de que no todos los géneros podrían ser grupos monofiléticos. Por ejemplo, SUNDBER y PLEIJEL (1994) proponen mantener la parte genérica del nombre como un *praenomen*, pero sin significado genealógico. SCHANDER y THOLLESSON (1995) consideran que cualquier especie, verbigracia, *Polycera quadrilineata*, puede ser referida como *Polycera Quadrilineata*, *Nudibranchia Quadrilineata*, *Gastropoda Quadrilineata*, o cualquier combinación para suministrar información sobre la filogenia de referencias, como *Gastropoda Polycera Quadrilineata*. En su expresión uninomial, en vez de *Polycera quadrilineata* (Miller, 1776), sería *Quadrilineata* Miller, 1776.

GRAYBEAL (1997) sugiere que, si el género no es un clado, se unan el género y la especie. Así, *Clanopodium vulgare* sería *clanopodiumvulgare*. CANTINO, BRYANT, DE QUEIROZ, DONOGHUE, ERIKSSON, HILLIS y LEE (1999) proponen otras variantes nomenclaturales. Como ejemplo, *Sturnus vulgaris*, podría pasar a *vulgaris*, o si este nombre ya está asignado a otra especie, entonces se escribiría *vulgaris2*, *vulgaris3*, etc. También sería factible *Sturnus vulgaris2*, *Sturnus/vulgaris2*, (*Sturnus*)/*vulgaris2*, *vulgaris2* (*Sturnus*) ó ...

PARAFILIA

El concepto básico para el reconocimiento de taxones darwinianos es el de monofilia. Un taxón monofilético consiste en los descendientes de un AC más cercano (MAYR, 1969; PEARSE, 1998; MAYR Y BOCK, 2002). La terminología filogenético-cladista sigue la concepción de HENNIG (1966), quien definió a un taxón monofilético como aquel que comprende a todos los descendientes de un AC, incluyendo a este último. Ello introdujo una confusión, que ASHLOCK (1971, 1979) intentó aclarar al definir el concepto de holofilia. El significado de holofilia y holofilético es el equivalente al de monofilia y monofilético hennigniano, respectivamente. En sentido general, la nomenclatura filogenética ignora esta distinción y continúa valiéndose del término monofilia en el sentido de HENNIG (1966) y seguidores. Este sistema sólo valida el reconocimiento de taxones monofiléticos (en realidad holofiléticos), lo que trae aparejado diferencias drásticas en los resultados taxonómicos y en la manera de concebir el desarrollo de los procesos evolucionarios.

La nomenclatura filogenética prohíbe el reconocimiento de taxones parafiléticos. Estos taxones sólo contienen a parte de los descendientes de un AC. Por ejemplo, en el cladograma hipotético de las especies A-H (Fig. 2), es posible delimitar el taxón X (A-D) y el taxón Y (E-H). El taxón Y es monofilético (holofilético), y se origina a partir del AC (2), el cual, a su vez, evolucionó dentro del taxón X. El taxón X es un taxón parafilético, según la nomenclatura filogenética, pero es monofilético, por que el AC más próximo de todas sus especies (A-D) es AC (1). El grupo A-D X puede ser aun lo suficientemente diferente y distintivo con relación a su descendiente como para ser reconocido como un taxón, si se adopta una perspectiva darwiniana (monofilética, no holofilética).

Prácticamente, con cada análisis filogenético se revela que unos grupos se originan dentro de otros grupos (PEARSE, 1998), sin que por ello sea necesario rechazar las clasificaciones previas de los grupos antecesores, que continúan siendo monofiléticos en el sentido darwiniano (MAYR Y BOCK, 2002). Ese es el caso de los Reptilia, que originaron Aves y Mammalia; o el de Artiodactyla - Cetacea; Rotifera - Acantocephala; Turbellaria - Otros Platelimintos; Porifera (en parte) - Eumetazoa; Poliqueta - Pogonophora, y muchos otros casos a diferentes niveles de inclusividad.

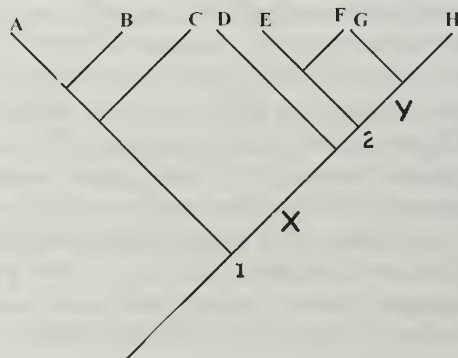


Figura 2. Cladograma hipotético de las especies A-H. Taxones indicados por X y Y. Números indican antecesores comunes.

Figure 2. Hypothetical cladograma of species A-H. Taxa are indicated by X and Y. Numbers indicate common ancestors.

En la actualidad, un grupo tanto de taxonómos como de otros estudiosos abogan por el reconocimiento de este tipo de taxones parafiléticos (LAURENT, 1992; PRITCHARD, 1994; GREEN, 1998; PEARSE, 1998; MAYR Y BOCK, 2002). PEARSE (1998) enfatiza que los taxones parafiléticos “ofrecen una perspectiva fascinante para el desciframiento de los patrones evolucionarios”. En la nomenclatura cladística, estos taxones no son aceptados, o son definidos en términos de exclusión, como un no-grupo. Por ejemplo, DE QUEIROZ y GAUTHIER, (1990) definen Reptilia como “el ACR de Mammalia y Aves, excepto Mammalia y Aves”. Ello trata a estos grupos como subordinados a su descendencia, lo que genera visiones y confusiones extremistas y distorsionadas sobre la evolución (LAURENT, 1992, 1992; GREEN, 1998; PEARSE, 1998). De igual modo, deja la impresión que la descendencia tenga efectos retroactivos sobre sus antecesores, lo cual no tiene sentido (MAYR Y BOCK, 2002). Lo anterior es también una consecuencia de considerar exclusivamente como indicadores de información filogenética a las sinapomorfías (caracteres derivados compartidos), e ignorar a las simplesiomorfías (caracteres “primitivos” compartidos). Ello ha sido criticado por LAURENT, 1992; PRITCHARD y MAYR Y BOCK, 2002.

BRYANT Y CANTINO (2002) estiman que el contenido de un taxón y su ancestría pueden ser separados. Por otra parte, HÄRLIN (2003b) expresa su desacuerdo, debido a que un antecesor es sólo un punto en la historia de un taxón, mientras que la ancestría se refiere a la historia entera de un clado en particular. Sin embargo, coincide con dichos autores respecto a que el enfoque principal de nombrar taxones debe ser la referencia a ancestrías particulares. Si se utilizan/usan tanto antecesores como ancestrías en la definición de monofilia, entonces tenemos una tautología, un círculo vicioso de razonamiento. Esta concepción justifica también, desde el punto de vista epistemológico, el reconocimiento de taxones parafiléticos, debido a que considera la historia, es decir, la evolución del grupo.

CLASIFICACION, CLADIFICACION Y CIENCIA-ARTE

MAYR Y BOCK (2002) plantearon que todas estas variantes de enfoques cladista-filogenetistas no son sistemas clasificatorios, sino de ordenamiento. Le denominan sistema de cladificación. Sólo tienen en cuenta el ordenamiento cladístico de ramas, o de partes de ramas, en el cladograma. Estas ramas muchas veces no satisfacen la condición de clases. En la cladificación sólo es necesario satisfacer, como enfatiza DE QUEIROZ (1997), el principio de descendencia para la delimitación de taxones. No se tiene en cuenta un ordenamiento sobre la base de la delimitación de clases anidadas. MAYR Y BOCK (2002) precisaron que en la clasificación darwiniana los taxones se delimitan por semejanza (homologías) y descendencia común. Es decir, que la genealogía por sí misma no basta para la construcción de clasificaciones robustas. La clasificación darwiniana tiene en cuenta tanto la cladogénesis (descendencia común o genealogía) como la cantidad de cambio o anagénesis.

MAYR Y BOCK (2002) aseveran que una clasificación darwiniana es tan genealógica como una cladificación, excepto que es una genealogía de grupos (clases) y no necesariamente de clados (grupos holofiléticos). La delimitación de clases tiene en cuenta la compartición de homologías y los resultados del proceso de la evolución. Así, es posible clasificar a las aves y a los mamíferos como grupos diferentes a los reptiles y hasta reco-

nocer a estos últimos como un grupo con personalidad propia. Por otra parte, KNOX (1998) espetó de manera adamantina que la clasificación cladista es un oximorón (sistema torpe), porque carece por completo del concepto de clase necesario para construir una clasificación. Si la evolución es descendencia con modificación, lo que es decir diversidad + genealogía + ecología; entonces la clasificación darwiniana es también una clasificación evolucionaria. Estos autores la definen como el agrupamiento ordenado de organismos en clases, de acuerdo con sus semejanzas y consistencia con una filogenia inferida.

DE QUEIROZ (1988) asevera que quizás la mejor definición general de la evolución es el enunciado de DARWIN (1859) de “descendencia con modificación”. Más adelante plantea que transitamos “hacia una verdadera sistemática evolucionaria”. Sin embargo, el sistema de clasificación (o de ordenamiento y sistematización cladista) y nomenclatura filogenéticas se basa sólo en un aspecto de la evolución: la descendencia. BROWER (2000) va aún más allá. En su opinión, liberar a la cladística de las asunciones tradicionales de conocimiento evolucionario de fondo es un paso epistemológico importante hacia el establecimiento de una teoría de la sistemática lógicamente independiente. Afirma que el soporte filosófico del enfoque cladístico es fortalecido al remover por completo la referencia a la descendencia con modificación. Si aceptamos que la condición lógica y ontológicamente necesaria de la evolución es la acción de ambos procesos: descendencia y modificación a cualquier nivel de manifestación; entonces dicho sistema no sólo está mutilado, sino que nos ofrece un resultado mutilante en la búsqueda de congruencia entre la clasificación (epistemología) y la evolución filogenética o genealógica (ontología).

Ya LAURENT (1992) consideró que la teoría cladística muestra síntomas de envejecimiento, debido a la esclerosis de algunas ideas, como la de las sinapomorfías como única opción para el establecimiento de relaciones filogenéticas informativas. PRITCHARD (1994) y MAYR Y BOCK (2002) exhiben opiniones similares. DOMINGUEZ Y WHEELER (1997) consideran que el sistema linneano es más estable; aseguran que la jerarquía comunica información limitada sobre la inclusividad de los taxones, pero el abandono de la jerarquía y de los rangos incidiaría en la pérdida de dicha información. NIXON Y CARPENTER (2000) abogan por la preservación del esquema tradicional, mientras que BENTON (2000) declara que la aplicación práctica de la nomenclatura filogenética sería desastrosa, al promover inestabilidad y confusión. WHITGOTT (2000) afirma que es necesario un sistema efectivo de taxonomía en esta época que se caracteriza tanto por los descubrimientos de nuevos taxones como por las extinciones rápidas.

Para BENTON (2000) el propósito de la nomenclatura filogenética es el de traducir filogenias cladistas directamente en clasificaciones. A la luz de lo expuesto, ello no es posible. Las clasificaciones no se descubren. Es por ello que, en su opinión, la confusión fundamental radica en no comprender la diferencia entre una filogenia (que es real) y una clasificación (que es utilitaria); entonces algunos acabarían abandonando la clasificación completamente. HÄRLIN (2003b) enfatiza que la nomenclatura es un proceso *desde arriba hacia abajo*, mientras que la evolución es *desde abajo hacia arriba*. La nomenclatura es epistemología, no debe mezclarse con el proceso evolucionario en sí mismo. En su análisis, MAYR Y BOCK (2002) concluyen con la recomendación a los taxónomos darwinistas que deben realizar análisis filogenéticos apropiados. A la vez, les sugieren a los cladistas abandonar el concepto de holofilia, porque ella excluye la posibilidad de que un sistema de ordenamiento pueda ser un sistema de clasificación.

El antológico SIMPSON (1961) expuso que la clasificación no puede reflejar la filogenia, pero puede al menos respetarla. LAURENT (1992) apoyó este criterio. BENTON (2000) hizo énfasis en el carácter utilitario que debe tener la clasificación, y que la misma trate de ser el mejor estimado actual de la filogenia. En adición, SIMPSON (1961) también declaró que la clasificación debe ser un arte útil. MAYR Y BOCK (2002) reconocen que esta idea entra en conflicto con la opinión generalizada de que la clasificación debe ser “objetiva”. Pero eso no es tan sencillo. Las filogenias son “objetivas”, porque son un resultado de un proceso natural: la evolución. Además son únicas e irrepetibles. Cada grupo monofilético, cada especie, sólo tienen una historia filogenética. Los taxónomos, siguiendo determinados métodos y principios, construyen hipótesis filogenéticas probables.

Nunca se tiene la certeza de que la hipótesis aceptada representa la historia verdadera, o si es tan sólo una aproximación. Los principios y métodos sobre y con los cuales se construyen las hipótesis tampoco son objetivos. Su aplicación depende de determinados consensos favorecidos en el momento. Y todo ello depende, básicamente, del poder de los paradigmas vigentes. Lo “objetivo” no es más que el consenso entre las subjetividades de los investigadores. Como MATURANA Y VARELA (1996) han sentenciado, *“todo lo que se ha dicho lo ha dicho un observador”*. Resulta obvio que ningún esquema clasificatorio puede ser “objetivo”. Es una construcción para facilitar una comunicación y comprensión específicas. Ni la cladificación ni la clasificación darwinista delimitan taxones al azar. Todo depende del criterio del sujeto o sujetos hacedores del ordenamiento. Las clasificaciones no están dadas en un cladograma, sino que se construyen a partir del mismo sobre la base de la interpretación de ese grupo en particular por los taxónomos. Vale aquí acotar la frase del célebre filósofo Nietzchel, *“no existen hechos, sólo interpretaciones”*.

Tal vez Simpson haya llamado la atención cuatro décadas atrás sobre lo más crucial de la clasificación biológica; su carácter de arte, como fenómeno complejo. No deja de resultar perturbador asimilar la siguiente consideración de WAGENSBERG (1998): *“una complejidad asalta a la mente. Si ésta es lo bastante simple (!), entonces puede aplicársele el método científico”*. También afirma que todo conocimiento real es una ponderación de lo científico, lo artístico y aun de lo revelado. NOVO (2004), desde la perspectiva del pensamiento complejo, utiliza el término **ciencia-arte** para mostrar la complementariedad entre el ser humano y la Naturaleza, entre la razón y la creación. La Naturaleza no puede describirse “tal cual es”. Nos hace comprender que las hipótesis se construyen no sólo sobre la base de conocimiento científico, sino que en ello interviene lo arracional, lo creativo, lo cual es un atributo de lo artístico. Tanto la ciencia como el arte responden a la necesidad de reducir la angustia que provoca el vacío, la ignorancia.

Entre las aves, los órdenes son más uniformes que entre los insectos. Ello es un resultado de la clasificación darwiniana. Es cierto que no existe un patrón de medida o equivalencia para establecer categorías. Abogar por su eliminación es uno de los reclamos de la clasificación (o cladificación) cladista. Sin embargo, en el contexto evolucionario de las aves y de los insectos, respectivamente, tales divisiones, si se respetan las filogenias conocidas o aceptadas para estos grupos, no sólo son lógicas, sino útiles y esclarecedoras. La evolución de cada grupo es única. No hay por qué concebir un mismo patrón clasificatorio para todas. La coexistencia y la asimilación mutuas de determinados principios en los sistemas filogenéticos y evolucionarios son posibles, una vez que se acepten las comple-

jidades y peculiaridades de cada grupo en particular. El legendario taxónomo y evolucionista GOULD (2002), insistió en su monumental obra: *THE STRUCTURE OF EVOLUTIONARY THEORY* acerca de la necesidad de abordar los problemas de la evolución a través de una perspectiva pluralística e implícitamente compleja. La clasificación biológica debe aceptar esa complejidad y establecer sistemas de ordenamiento congruentes con ello, a través de una perspectiva evolucionaria.

La ortodoxia de las concepciones sobre el operar de la evolución implica que la especiación es un proceso divergente. La especiación produce divergencia de las formas ancestrales y por lo tanto resulta adecuada la imagen de la evolución de la vida como un exuberante árbol, prolífico en ramas, tanto gruesas como finas. Sin embargo, las evidencias de la importancia de la simbiogénesis en la generación de especies y de las grandes transiciones de la vida, incluyendo la creación de nuevos tipos (MARGULIS Y SAGAN, 2002; RYAN, 2002) obliga a un desplazamiento de perspectivas. De esta manera ya no sólo percibimos ramas divergentes en la fronda de la evolución, sino también observamos anastomosis a través de toda su anatomía; vemos gruesos nudos generadores de nuevos brotes de creatividad. Las fusiones también generan divergencias. La dinámica de la vida es compleja, y procesos de integración, al generar diversidad y novedades, son percibidos como divergencias. El árbol de la vida es a la vez un complejo “anillo de la vida” según proponen RIVERA Y LAKE (2004), como una consecuencia de la fusión de genomas y de la transferencia horizontal de información genética. La especiación es la consecuencia de la divergencia y reestructuración de los genomas. Eso es cierto; pero esta divergencia no es lineal. La distinción y exclusividad del genoma de cada especie es el resultado de una divergencia que ha emergido no sólo por acumulación de mutaciones, sino también por fusiones e integración de genomas de organismos diferentes.

La sistemática se enfrenta a una interpretación del mundo que emerge de estas evidencias. Las especies son atractores de forma e información, y estas formas están relacionadas históricamente. Los grupos monofiléticos resultan cuencas de atracción, que podemos descubrir y clasificar, porque constituyen clases naturales. La especiación implica tanto fusiones como divergencias. Tal vez entonces los cladogramas no siempre nos cuentan una historia verdadera. Ante tal complejidad, es inevitable una asimetría entre las evidencias, los métodos para descubrir relaciones y los fundamentos explicativos para construir clasificaciones que, por lo general, son lineales. Mayr y Bock abogan por una clasificación más enraizada en la interpretación de otros aspectos, tal vez más narrativa. Las narrativas son más adecuadas para las explicaciones históricas, y posiblemente para las interpretaciones clasificatorias. Las proposiciones explicativas de la sistemática filogenética se basan en los modelos hipotético-deductivos. En sentido general, las narrativas son rechazadas en el ámbito de la biología comparada. Sin embargo, GOULD (2002) aseveró que tanto leyes inmanentes como narrativas (hacia las cuales existe una profunda e irracional reticencia, según sus palabras) son dos formas de conocimiento objetivo y abogó por una pluralidad de estilos explicativos para nuestra comprensión de “generalidades atadas a leyes y particulares fascinantes”. Por su parte, KAUFFMAN (2000) asevera que “Las biosferas demandan sus Shakespeares tanto como a sus Newtons. Tendremos que repensar que es la ciencia en sí misma Las humanidades y la ciencia pueden encontrar una inesperada e inevitable unión”

MORRONE (2001) expresó que las ideas de HENNIG (1966) ubicaron a la sistemática en el conjunto de otras disciplinas de la biología. Estas ideas pusieron en evidencia su falta de sustentación y defendieron explícitamente la noción de que la sistemática es una ciencia y no un arte. Pero el arte no es sólo la materialización de la imaginación. Es, ante todo, una representación del mundo, no necesariamente reñida con lo lógico ni con lo científico, pero sí enraizada en lo intuitivo. Lo que ocurre es que el conocimiento científico no sólo es racional, sino racionalizado; pero ni siquiera el camino hacia lo racionalizado tiene que estar alienado de la intuición. Las evidencias comentadas acerca de los procesos de desarrollo y la especiación nos retan a construir nuevas representaciones cognitivas enriquecidas con la aceptación de la complejidad de las relaciones entre los sistemas vivientes.

Como el propio Morrone reconoce, la cladística es un lenguaje. FEYERABEND (1975) razonó que los lenguajes y los patrones de reacción que involucran no son meramente instrumentos para describir eventos, sino que son modeladores de eventos; su “gramática” contiene una cosmología, una visión comprensiva del mundo y de la sociedad de la situación del hombre que influye el pensamiento, la conducta y la percepción. LASS (1997) argumenta que el lenguaje no es algo que las personas hacen, sino algo que les sucede a sus lenguas. Los parlantes son “externos” al lenguaje. Los lenguajes tienen su propia objetividad. STAMOS (2002) propugna que los lenguajes, más que sistemas de comunicación, son sistemas de representación del mundo. La complejidad de los fenómenos y las relaciones de la naturaleza nos hablan en su propio lenguaje. Debemos aprehender ese lenguaje para representarnos al mundo en su propia complejidad, que es su propia objetividad, para así poder construir un ordenamiento y una clasificación de esas relaciones. La sistemática y la clasificación intentan ordenar y hacer inteligible la complejidad de la vida, y NOVO (2004) nos recuerda que el arte no intenta reducir la complejidad, sino que se limita a aceptarla.

Quisiera terminar con un pensamiento de WAGENSBERG (1998): “*todo conocimiento puede simbolizarse como un punto en el espacio representado por esas tres dimensiones (el conocimiento científico, el artístico y el revelado). Los caminos por ese espacio del conocimiento pueden ser audaces, fraudulentos, esperanzadores, ingenuos... Percibida una complejidad, se inicia uno de estos caminos infinitos. Y esa es la cuestión.*”

BIBLIOGRAFIA

- ASHLOCK, P. D. 1971. Monophyly and associated terms. *Syst. Zool.*, 20: 63-69.
- ASHLOCK, P. D. 1979. An evolutionary systematist's view of classification. *Syst. Zool.*, 28: 441-450.
- BENTON, M. J. 2000. Stems, nodes, crown clades, and rank-free lists: is Linnaeus dead? *Biol. Rev.*, 75: 633-648.
- BOHM, D. 1988: *La totalidad y el orden implicado*. Barcelona. Kairós.
- BROWER, A. V. Z. 2000. Evolution is not a necessary assumption of cladistics. *Cladistics*, 16: 143-154.
- BRYANT, H. N. 1997. Cladistic information in phylogenetic definitions and designated phylogenetic contexts for the use of taxon names. *Biol. J. Linn. Soc.*, 62: 495-503.
- BRYANT, H. N. y CANTINO, P. D. 2002. A review of criticism of phylogenetic nomenclature: is taxonomic freedom the fundamental issue? *Biol. Rev.*, 77: 39-55.
- CANTINO, P. D., BRYANT, H. N., QUEIROZ, K., DONOGHUE, M., ERIKSSON, T., HILLIS, D. M. y LEE, M. S. Y. 1999. Species names in phylogenetic nomenclature. *Syst. Biol.*, 48: 790-807.
- DE QUEIROZ, K. 1988. Systematics and the Darwinian revolution. *Phil. Sci.*, 55: 238-259.
- DE QUEIROZ, K., 1995. The definitions of species and clade names: a reply to Ghiselin. *Biol. Phil.*, 10: 223-228.
- DE QUEIROZ, K. 1997. The Linnean hierarchy and the evolutionization of taxonomy, with emphasis on the problem of nomenclature. *Aliso*, 15: 125-144.
- DE QUEIROZ, Q. y DONOGHUE, J. 1990. Phylogeny as a central principle in taxonomy: phylogenetic definitions of taxon names. *Syst. Zool.*, 39: 307-322.

- DE QUEIROZ, K. Y GAUTHIER, J. 1994. Toward a phylogenetic system of biological nomenclature. *Trends. Ecol. Evol.*, 9:27-31.
- DOMINGUEZ, E. Y WHEELER Q. D. 1997. Taxonomic stability is ignorance. *Cladistics*, 13: 367-372.
- ERESHEFSKY, M. 1997. The evolution of the Linnean hierarchy. *Biol. Philos.*, 493-519.
- ERESHEFSKY, M. 2000. *The poverty of the Linnean hierarchy: a philosophical study of biological taxonomy*. Cambridge University Press, Cambridge.
- FONTENLA, J. L. 1999. Sobre definiciones taxonómicas y táxones parafiléticos. *Cocuyo*, 9: 29-36.
- GHISELIN, M. T. 1995. Ostensive definition of the names of species and clades. *Biol. Phil.*, 10: 219-222.
- GOODWIN, B. 1998. *Las manchas del leopardo. La evolución de la complejidad*. Tusquets editores. Barcelona.
- GOULD, S. J. 1982. Darwinism and the expansion of the evolutionary theory. *Science*, 216: 380-382.
- GOULD, S. J. 2002. *The structure of evolutionary theory*. Harvard University Press. Cambridge, Massachusetts.
- GRAYBEAL, A. 1995. Naming species. *Syst. Biol.*, 44:237-250.
- GREENE, W. W. 1998. We are primate and we are fish: Teaching monophyletic organismal biology. *Integrative Biology*, 1: 108-111.
- HÄRLIN, M. 2003a. Taxon names as paradigms: the structure of nomenclature revolutions. *Cladistics*, 19: 138-143.
- HÄRLIN, M. 2003b. On the relationship between content, ancestor, and ancestry in phylogenetic nomenclature. *Cladistics*, 19: 144-147.
- HENNIG, W. 1966. *Phylogenetics systematics*. University of Illinois Press, Urbana, 263 pp.
- KAUFFMAN, S. 1993. *The origins of order*. New York, Oxford. Oxford University Press.
- KAUFFMAN, S. 2000. *Investigations*. Oxford University Press. New York, Oxford.
- KLEE, P. (1976) *Teoría del arte moderno*. Buenos Aires. Calden.
- KNOX, E. B. 1998. The use of hierarchies as organizational models in systematics. *Biol. J. Linn. Soc.*, 63: 149-159.
- LAURENT, R.F. 1992. Reflexiones sobre las ventajas y los defectos del cladismo. *Acta Zool. Lilloana*, 41:1-3.
- LEE, M.S.Y. 1996. The phylogenetic approach to biological taxonomy: practical aspects. *Zool. Scrip.*, 25: 187-190.
- LEE, M.S.Y. 1998. Ancestors and taxonomy. *Tree*, 13: 109.
- MATURANA, H. Y VARELA, F. 1996. *El árbol del conocimiento. Las bases biológicas del conocimiento humano*. Editorial Universidad. Santiago de Chile. Santiago de Chile
- MAYR, E. 1969. *Principles of systematic zoology*. Mc Graw-Hill. New York, 375 pp
- MAYR, E. Y BOCK, W. J. 2002. Classifications and other ordering systems. *J. Zool. Evol. Research*, 40: 169-194.
- MORRONE, J. J. 2001. *El lenguaje de la cladística*. Universidad Nacional autónoma de México.
- NAJMANOVICH, D. 2002. *La complejidad: de los paradigmas a las figuras del pensar*. Instituto de Filosofía, La Habana.
- NIXON, K. C. Y CARPENTER, J. M. 2000. On the other "phylogenetic systematics". *Cladistics*, 16: 298-318.
- NOVO, M. 2004. *Integración ciencia-arte en la complejidad*. II Seminario acerca de las Implicaciones Epistemológicas, Filosóficas y Metodológicas de la Teoría de la Complejidad La Habana, 2004,
- PEARSE, J. S. 1998. We are sponges: phylogenetic systematics is getting a tad silly. *Integrative Biology*, 6: 231-233.
- PLEIJEL, F. 1999. Phylogenetic taxonomy, a farewell to species, and a revision of Heteropodidae (Hesioniidae, Polychaeta, Annelida). *Syst. Biol.*, 48: 755-789.
- PRITCHARD, P. C. H. 1994. Cladism: the great delusion. *Herpetol. Rew.*, 25: 103-110.
- RIEPEL, R. 1988. *Fundamentals of comparative biology*. Birkhäuser Verlag, Basel.
- RIVIERA, M. C. Y J. A. LAKE. 2004. The ring of life provides evidence for a genome fusion origin of eukaryotes. *Nature*, 431: 152-155.
- RYAN, F. 2002. *Darwin's blind spot. Evolution beyond Natural Selection*. Houghton Mifflin Company. New York.
- SCHANDER, C. Y THOLLESSON, M. 1995. Definitions in phylogenetic taxonomy: critique and rationale. *Zool. Scr.*, 24: 263-268.
- SERENO. Definitions in phylogenetic taxonomy: critique and a rationale. *Syst. Biol.*, 48: 329-351.
- SIMPSON, G. G. 1961. *Principles of animal taxonomy*. Columbia University Press. New York.
- STAMOS, D. N. 2002. Species, languages, and the horizontal/vertical distinction. *Biol. Phil.*, 17:, 171-198.
- STUESSY, T. F. 2000. Taxon names are not defined. *Taxon*, 49: 533-536.
- STUESSY, T. F. 2001. Taxon names are still not defined. *Taxon*, 50: 185-186.
- SUNDBERG, P. Y PLEIJEL, F. 1994. Phylogenetic classification and the definition of taxon names. *Zool. Scrip.*, 43: 19-25.
- WAGENSBERG, J. 1998. *Ideas sobre la complejidad del mundo*. Editorial Tousquet, Barcelona.
- WITHGOTT, J. 2000. Is it so long, Linnaeus?. *BioScience*, 50: 646-651.
- DE QUEIROZ, K. 1992. Phylogenetic definition and taxonomic philosophy. *Biol. Philos.*, 7:295-313.
- DE QUEIROZ, K. Y GAUTHIER, J. 1990. Phylogeny as a central principle in taxonomy. Phylogenetics definition of taxon names. *Syst. Zool.*, 39:307-322.
- FEYERABEND, P. 1975. *Against method*. New Left Books, London.
- KAUFFMAN, S. 1996. *At home in the universe. The search for the laws of self-organization and complexity*. Oxford University Press. New York, Oxford.
- LASS, R. 1997. *Historical Linguistics and Language Change*. Cambridge: Cambridge University Press.
- MARGULIS, L. Y SAGAN, D. 2002. *Acquiring genomes. A theory of the origins of species*. Basic Books. The Perseus Books Group.
- SALTHER, S. N. 1996. *Development and evolution. Complexity and change in biology*. Massachusetts Institute of Technology. A Bradford Book.
- SIMPSON, G. G. 1961. *Principles of animal taxonomy*. Columbia University Press. New York.